

BUNDESREPUBLIK DEUTSCHLAND



Prioritätsbescheinigung über die Einreichung einer Patentanmeldung

Aktenzeichen: 100 42 740.5

Anmeldetag: 31. August 2000

Anmelder/Inhaber: Degussa AG, Düsseldorf/DE

Erstanmelder: Degussa-Hüls Aktien-
gesellschaft, Frankfurt am Main/DE

Bezeichnung: Neue für das citA-Gen kodierende
Nukleotidsequenzen

IPC: C 12 N, C 07 K, C 07 H

Die angehefteten Stücke sind eine richtige und genaue Wiedergabe der ur-
sprünglichen Unterlagen dieser Patentanmeldung.

München, den 21. Juni 2001
Deutsches Patent- und Markenamt
Der Präsident
Im Auftrag

Faust

Neue für das citA-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

Gegenstand der Erfindung sind für das citA-Gen kodierende Nukleotidsequenzen aus coryneformen Bakterien und ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, durch Abschwächung des citA-Gens. Das citA-Gen kodiert für die Sensor Kinase Cit A eines Zwei-Komponentensystems.

Stand der Technik

L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, finden in der Humanmedizin und in der pharmazeutischen Industrie, in der Lebensmittelindustrie und ganz besonders in der Tierernährung Anwendung.

Es ist bekannt, dass Aminosäuren durch Fermentation von Stämmen coryneformer Bakterien, insbesondere Corynebacterium glutamicum, hergestellt werden. Wegen der grossen Bedeutung wird ständig an der Verbesserung der Herstellverfahren gearbeitet. Verfahrensverbesserungen können fermentationstechnische Massnahmen wie zum Beispiel Rührung und Versorgung mit Sauerstoff, oder die Zusammensetzung der Nährmedien, wie zum Beispiel die Zuckerkonzentration während der Fermentation, oder die Aufarbeitung zur Produktform durch zum Beispiel Ionenaustauschchromatographie oder die intrinsischen Leistungseigenschaften des Mikroorganismus selbst betreffen.

Zur Verbesserung der Leistungseigenschaften dieser Mikroorganismen werden Methoden der Mutagenese, Selektion und Mutantenauswahl angewendet. Auf diese Weise erhält man Stämme, die resistent gegen Antimetabolite oder auxotroph für regulatorisch bedeutsame Metabolite sind und die Aminosäuren produzieren.

Seit einigen Jahren werden ebenfalls Methoden der rekombinanten DNA-Technik zur Stammverbesserung von L-Aminosäure-produzierenden Stämmen von Corynebacterium eingesetzt.

5 Aufgabe der Erfindung

Die Erfinder haben sich zur Aufgabe gestellt, neue Massnahmen zur verbesserten fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, bereitzustellen.

Beschreibung der Erfindung

10 Werden im folgenden L-Lysin oder Lysin erwähnt, sind damit auch die Salze wie z. B. Lysin-Monohydrochlorid oder Lysin-Sulfat gemeint.

Gegenstand der Erfindung ist ein isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien, enthaltend eine für das
15 citA-Gen kodierende Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,

20 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,

25 c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und

d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz^c von a), b) oder c),

30 wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität Sensor Kinase Cita aufweist.

Gegenstand der Erfindung ist ebenfalls das oben genannte Polynukleotid, wobei es sich bevorzugt um eine replizierbare DNA handelt, enthaltend:

- (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in SEQ ID No.1 oder
- 5 (ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz (i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des genetischen Kodes entspricht, oder
- (iii) mindestens eine Sequenz, die mit den zu den Sequenzen (i) oder (ii) komplementären Sequenzen hybridisiert, und gegebenenfalls
- 10 (iv) funktionsneutralen Sinnmutationen in (i).

Weitere Gegenstände sind:

eine replizierbares Polynukleotid, insbesondere DNA,
enthaltend die Nukleotidsequenz, wie in SEQ ID No.1
15 dargestellt;

ein Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz, wie in SEQ ID No. 2 dargestellt, enthält;

ein Vektor, enthaltend Teile des erfindungsgemässen Polynukleotids, mindestens aber 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der beanspruchten Sequenz

20 und coryneforme Bakterien, in denen das citA-Gen, insbesondere durch eine Insertion oder Deletion, abgeschwächt ist.

25 Gegenstand der Erfindung sind ebenso Polynukleotide, die im wesentlichen aus einer Polynukleotidsequenz bestehen, die erhältlich sind durch Screening mittels Hybridisierung einer entsprechenden Genbank eines coryneformen Bakteriums, die das vollständige Gen oder Teile davon enthält, mit
30 einer Sonde, die die Sequenz des erfindungsgemässen

Polynukleotids oder ein Fragment davon enthält und Isolierung der genannten Polynukleotidsequenz.

Polynukleotide enthaltend die Sequenzen gemäss der Erfindung sind als Hybridisierungs sonden für RNA, cDNA und
5 DNA geeignet, um Nukleinsäuren, beziehungsweise Polynukleotide oder Gene in voller Länge zu isolieren, die für das CitA-Protein kodieren oder um solche Nukleinsäuren beziehungsweise Polynukleotide oder Gene zu isolieren, die eine hohe Ähnlichkeit mit der Sequenz des citA-Gens
10 aufweisen.

Polynukleotide enthaltend die Sequenzen gemäss der Erfindung sind weiterhin als Primer geeignet, mit deren Hilfe mit der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) DNA von Genen hergestellt werden kann, die für das CitA-Protein kodieren.

15 Solche als Sonden oder Primer dienende Oligonukleotide enthalten mindestens 30, bevorzugt mindestens 20, ganz besonders bevorzugt mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide. Geeignet sind ebenfalls Oligonukleotide mit einer Länge von mindestens 40 oder 50 Nukleotiden.

20 „Isoliert“ bedeutet aus seinem natürlichen Umfeld herausgetrennt.

„Polynukleotid“ bezieht sich im allgemeinen auf Polyribonukleotide und Polydeoxyribonukleotide, wobei es sich um nicht modifizierte RNA oder DNA oder modifizierte
25 RNA oder DNA handeln kann.

Die Polynukleotide gemäss Erfindung schliessen ein Polynukleotid gemäss SEQ ID No. 1 oder ein daraus hergestelltes Fragment und auch solche ein, die zu wenigstens 70 %, bevorzugt zu wenigstens 80 % und besonders
30 zu wenigstens 90 % bis 95 % identisch sind mit dem Polynukleotid gemäss SEQ ID No. 1 oder eines daraus hergestellten Fragmentes.

Unter „Polypeptiden“ versteht man Peptide oder Proteine, die zwei oder mehr über Peptidbindungen verbundene Aminosäuren enthalten.

5 Die Polypeptide gemäss Erfindung schliessen ein Polypeptid gemäss SEQ ID No. 2, insbesondere solche mit der biologischen Aktivität des CitA-Proteins und auch solche ein, die zu wenigstens 70 %, bevorzugt zu wenigstens 80 % und besonders zu wenigstens 90 % bis 95 % identisch sind mit dem Polypeptid gemäss SEQ ID No. 2 und die genannte
10 Aktivität aufweisen.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits Aminosäuren produzieren und in denen
15 die für das citA-Gen kodierenden Nukleotidsequenzen abgeschwächt, insbesondere ausgeschaltet oder auf niedrigem Niveau exprimiert werden.

Der Begriff „Abschwächung“ beschreibt in diesem Zusammenhang die Verringerung oder Ausschaltung der
20 intrazellulären Aktivität eines oder mehrerer Enzyme (Proteine) in einem Mikroorganismus, die durch die entsprechende DNA kodiert werden, indem man beispielsweise einen schwachen Promotor verwendet oder ein Gen bzw. Allel verwendet, das für ein entsprechendes Enzym mit einer
25 niedrigen Aktivität kodiert bzw. das entsprechende Gen oder Enzym (Protein) inaktiviert und gegebenenfalls diese Massnahmen kombiniert.

Die Mikroorganismen, die Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind, können Aminosäuren, insbesondere L-Lysin
30 aus Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke, Cellulose oder aus Glycerin und Ethanol herstellen. Es kann sich um Vertreter coryneformer Bakterien insbesondere der Gattung Corynebacterium handeln. Bei der Gattung Corynebacterium ist insbesondere die Art

Corynebacterium glutamicum zu nennen, die in der Fachwelt für ihre Fähigkeit bekannt ist, L-Aminosäuren zu produzieren.

- 5 Geeignete Stämme der Gattung *Corynebacterium*, insbesondere der Art *Corynebacterium glutamicum* (*C. glutamicum*), sind besonders die bekannten Wildtypstämme

Corynebacterium glutamicum ATCC13032
Corynebacterium acetoglutamicum ATCC15806
Corynebacterium acetoacidophilum ATCC13870
10 *Corynebacterium melassecola* ATCC17965
Corynebacterium thermoaminogenes FERM BP-1539
Brevibacterium flavum ATCC14067
Brevibacterium lactofermentum ATCC13869 und
Brevibacterium divaricatum ATCC14020

- 15 oder daraus hergestellte L-Aminosäuren produzierende Mutanten beziehungsweise Stämme, wie beispielsweise die L-Lysin produzierenden Stämme

Corynebacterium glutamicum FERM-P 1709
Brevibacterium flavum FERM-P 1708
20 *Brevibacterium lactofermentum* FERM-P 1712
Corynebacterium glutamicum FERM-P 6463
Corynebacterium glutamicum FERM-P 6464
Corynebacterium glutamicum DM58-1
Corynebacterium glutamicum DG52-5
25 *Corynebacterium glutamicum* DSM 5715 und
Corynebacterium glutamicum DSM 12866

Den Erfindern gelang es, das neue, für das CitA-Protein kodierende *citA*-Gen von *C. glutamicum*, welches eine Sensor Kinase eines Zwei-Komponenten Systems ist, zu isolieren.

- 30 Zur Isolierung des *citA*-Gens oder auch anderer Gene von *C. glutamicum* wird zunächst eine Genbank dieses Mikroorganismus in *Escherichia coli* (*E. coli*) angelegt. Das Anlegen von Genbanken ist in allgemein bekannten

Lehrbüchern und Handbüchern niedergeschrieben. Als Beispiel seien das Lehrbuch von Winnacker: Gene und Klone, Eine Einführung in die Gentechnologie (Verlag Chemie, Weinheim, Deutschland, 1990), oder das Handbuch von Sambrook et al.:
5 Molecular Cloning, A Laboratory Manual (Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1989) genannt. Eine sehr bekannte Genbank ist die des E. coli K-12 Stammes W3110, die von Kohara et al. (Cell 50, 495-508 (1987)) in λ -Vektoren angelegt wurde.
10 Bathe et al. (Molecular and General Genetics, 252:255-265, 1996) beschreiben eine Genbank von C. glutamicum ATCC13032, die mit Hilfe des Cosmidvektors SuperCos I (Wahl et al., 1987, Proceedings of the National Academy of Sciences USA, 84:2160-2164) im E. coli K-12 Stamm NM554 (Raleigh et al., 1988, Nucleic Acids Research 16:1563-1575) angelegt wurde.
15 Börmann et al. (Molecular Microbiology 6(3), 317-326 (1992)) wiederum beschreiben eine Genbank von C. glutamicum ATCC13032 unter Verwendung des Cosmides pH79 (Hohn und Collins, 1980, Gene 11, 291-298).

Zur Herstellung einer Genbank von C. glutamicum in E. coli
20 können auch Plasmide wie pBR322 (Bolivar, 1979, Life Sciences, 25, 807-818) oder pUC9 (Vieira et al., 1982, Gene, 19:259-268) verwendet werden. Als Wirte eignen sich besonders solche E. coli-Stämme, die restriktions- und rekombinationsdefekt sind wie beispielsweise der Stamm
25 DH5 α (Jeffrey H. Miller: „A Short Course in Bacterial Genetics, A Laboratory Manual and Handbook for Escherichia coli and Related Bacteria“, Cold Spring Harbour Laboratory Press, 1992).

Die mit Hilfe von Cosmiden oder anderen λ -Vektoren
30 klonierten langen DNA-Fragmente können anschliessend wiederum in gängige für die DNA-Sequenzierung geeignete Vektoren subkloniert werden.

Methoden zur DNA-Sequenzierung sind unter anderem bei Sanger et al. (Proceedings of the National Academy of

Sciences of the United States of America USA, 74:5463-5467, 1977) beschrieben.

Die erhaltenen DNA-Sequenzen können dann mit bekannten Algorithmen bzw. Sequenzanalyse-Programmen wie z.B. dem von Staden (Nucleic Acids Research 14, 217-232 (1986)), dem von Marck (Nucleic Acids Research 16, 1829-1836 (1988)) oder dem GCG-Programm von Butler (Methods of Biochemical Analysis 39, 74-97 (1998)) untersucht werden.

Auf diese Weise wurde die neue für das citA-Gen kodierende DNA-Sequenz von *C. glutamicum* erhalten, die als SEQ ID No. 1 Bestandteil der vorliegenden Erfindung ist. Weiterhin wurde aus der vorliegenden DNA-Sequenz mit den oben beschriebenen Methoden die Aminosäuresequenz des entsprechenden Proteins abgeleitet. In SEQ ID No. 2 ist die sich ergebende Aminosäuresequenz des citA-Genproduktes dargestellt.

Kodierende DNA-Sequenzen, die sich aus SEQ ID No. 1 durch die Degeneriertheit des genetischen Kodes ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung. In gleicher Weise sind DNA-Sequenzen, die mit SEQ ID No. 1 oder Teilen von SEQ ID No. 1 hybridisieren, Bestandteil der Erfindung. In der Fachwelt sind weiterhin konservative Aminosäureaustausche wie z.B. Austausch von Glycin gegen Alanin oder von Asparaginsäure gegen Glutaminsäure in Proteinen als „Sinnmutationen“ (sense mutations) bekannt, die zu keiner grundsätzlichen Veränderung der Aktivität des Proteins führen, d.h. funktionsneutral sind. Weiterhin ist bekannt, dass Änderungen am N- und/oder C-Terminus eines Proteins dessen Funktion nicht wesentlich beeinträchtigen oder sogar stabilisieren können. Angaben hierzu findet der Fachmann unter anderem bei Ben-Bassat et al. (Journal of Bacteriology 169:751-757 (1987)), bei O'Regan et al. (Gene 77:237-251 (1989)), bei Sahin-Toth et al. (Protein Sciences 3:240-247 (1994)), bei Hochuli et al. (Bio/Technology 6:1321-1325 (1988)) und in bekannten Lehrbüchern der

Genetik und Molekularbiologie. Aminosäuresequenzen, die sich in entsprechender Weise aus SEQ ID No. 2 ergeben, sind ebenfalls Bestandteil der Erfindung.

5 Schliesslich sind DNA-Sequenzen Bestandteil der Erfindung, die durch die Polymerase-Kettenreaktion (PCR) unter Verwendung von Primern hergestellt werden, die sich aus SEQ ID No. 1 ergeben. Derartige Oligonukleotide haben typischerweise eine Länge von mindestens 15 Nukleotiden.

10 Anleitungen zur Identifizierung von DNA-Sequenzen mittels Hybridisierung findet der Fachmann unter anderem im Handbuch "The DIG System Users Guide for Filter Hybridization" der Firma Boehringer Mannheim GmbH (Mannheim, Deutschland, 1993) und bei Liebl et al. (International Journal of Systematic Bacteriology 41: 255-
15 260 (1991)). Die Hybridisierung findet unter stringenten Bedingungen statt, das heisst, es werden nur Hybride gebildet, bei denen Sonde und Zielsequenz, d. h. die mit der Sonde behandelten Polynukleotide, mindestens 70 % identisch sind. Es ist bekannt, dass die Stringenz der
20 Hybridisierung einschliesslich der Waschschriffe durch Variieren der Pufferzusammensetzung, der Temperatur und der Salzkonzentration beeinflusst bzw. bestimmt wird. Die Hybridisierungsreaktion wird vorzugsweise bei relativ niedriger Stringenz im Vergleich zu den Waschschriffen
25 durchgeführt (Hybaid Hybridisation Guide, Hybaid Limited, Teddington, UK, 1996). Für die Hybridisierungsreaktion kann beispielsweise ein 5x SSC-Puffer bei einer Temperatur von ca. 50 - 68°C eingesetzt werden. Dabei können Sonden auch mit Polynukleotiden hybridisieren, die weniger als 70 %
30 Identität zur Sequenz der Sonde aufweisen. Solche Hybride sind weniger stabil und werden durch Waschen unter stringenten Bedingungen entfernt. Dies kann beispielsweise durch Senken der Salzkonzentration auf 2x SSC und gegebenenfalls nachfolgend 0,5x SSC (The DIG System User's
35 Guide for Filter Hybridisation, Boehringer Mannheim,

Mannheim, Deutschland, 1995) erreicht werden, wobei eine Temperatur von ca. 50 - 68°C eingestellt wird. Durch schrittweise Erhöhung der Hybridisierungstemperatur in Schritten von ca. 1 - 2°C von 50 auf 68°C können

5 Polynukleotidfragmente isoliert werden, die beispielsweise mindestens 70 % oder mindestens 80 % oder mindestens 90 % bis 95 % Identität zur Sequenz der eingesetzten Sonde besitzen. Weitere Anleitungen zur Hybridisierung sind in Form sogenannter Kits am Markt erhältlich (z.B. DIG Easy

10 Hyb von der Firma Roche Diagnostics GmbH, Mannheim, Deutschland, Catalog No. 1603558).

Anleitungen zur Amplifikation von DNA-Sequenzen mit Hilfe der Polymerase-Kettenreaktion (PCR) findet der Fachmann unter anderem im Handbuch von Gait: Oligonukleotide: a

15 Practical Approach (IRL Press, Oxford, UK, 1984) und bei Newton und Graham: PCR (Spektrum Akademischer Verlag, Heidelberg, Deutschland, 1994).

Bei der Arbeit an der vorliegenden Erfindung konnte festgestellt werden, dass coryneforme Bakterien nach

20 Abschwächung des citA-Gens in verbesserter Weise Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, produzieren.

Zur Erzielung einer Abschwächung können entweder die Expression des citA-Gens oder die katalytischen Eigenschaften des Enzymproteins herabgesetzt oder

25 ausgeschaltet werden. Gegebenenfalls können beide Massnahmen kombiniert werden.

Die Verringerung der Genexpression kann durch geeignete Kulturführung oder durch genetische Veränderung (Mutation) der Signalstrukturen der Genexpression erfolgen.

30 Signalstrukturen der Genexpression sind beispielsweise Repressorgene, Aktivatorgene, Operatoren, Promotoren, Attenuatoren, Ribosomenbindungsstellen, das Startkodon und Terminatoren. Angaben hierzu findet der Fachmann z.B. in der Patentanmeldung WO 96/15246, bei Boyd und Murphy

(Journal of Bacteriology 170: 5949 (1988)), bei Voskuil und Chambliss (Nucleic Acids Research 26: 3548 (1998)), bei Jensen und Hammer (Biotechnology and Bioengineering 58: 191 (1998)), bei Pátek et al. (Microbiology 142: 1297 (1996)),
5 Vasicova et al. (Journal of Bacteriology 181: 6188 (1999)) und in bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z.B. dem Lehrbuch von Knippers („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, Deutschland, 1995) oder dem von Winnacker („Gene und Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland,
10 1990).

Mutationen, die zu einer Veränderung bzw. Herabsetzung der katalytischen Eigenschaften von Enzymproteinen führen, sind aus dem Stand der Technik bekannt; als Beispiele seien die
15 Arbeiten von Qiu und Goodman (Journal of Biological Chemistry 272: 8611-8617 (1997)), Sugimoto et al. (Bioscience Biotechnology and Biochemistry 61: 1760-1762 (1997)) und Möckel („Die Threonindehydratase aus Corynebacterium glutamicum: Aufhebung der allosterischen
20 Regulation und Struktur des Enzyms“, Berichte des Forschungszentrums Jülichs, Jül-2906, ISSN09442952, Jülich, Deutschland, 1994) genannt. Zusammenfassende Darstellungen können bekannten Lehrbüchern der Genetik und Molekularbiologie wie z.B. dem von Hagemann („Allgemeine
25 Genetik“, Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Als Mutationen kommen Transitionen, Transversionen, Insertionen und Deletionen in Betracht. In Abhängigkeit von der Wirkung des Aminosäureaustausches auf die
30 Enzymaktivität wird von Fehlsinnmutationen (missense mutations) oder Nichtsinnmutationen (nonsense mutations) gesprochen. Insertionen oder Deletionen von mindestens einem Basenpaar (bp) in einem Gen führen zu Rasterverschiebungsmutationen (frame shift mutations), in
35 deren Folge falsche Aminosäuren eingebaut werden oder die

Translation vorzeitig abbricht. Deletionen von mehreren
Kodonen führen typischerweise zu einem vollständigen
Ausfall der Enzymaktivität. Anleitungen zur Erzeugung
derartiger Mutationen gehören zum Stand der Technik und
5 können bekannten Lehrbüchern der Genetik und
Molekularbiologie wie z.B. dem Lehrbuch von Knippers
 („Molekulare Genetik“, 6. Auflage, Georg Thieme Verlag,
 Stuttgart, Deutschland, 1995), dem von Winnacker („Gene und
 Klone“, VCH Verlagsgesellschaft, Weinheim, Deutschland,
10 1990) oder dem von Hagemann („Allgemeine Genetik“, Gustav
 Fischer Verlag, Stuttgart, 1986) entnommen werden.

Eine gebräuchliche Methode, Gene von *C. glutamicum* zu
mutieren, ist die von Schwarzer und Pühler (Bio/Technology
9, 84-87 (1991)) beschriebene Methode der Gen-Unterbrechung
15 (gene disruption) und des Gen-Austauschs (gene
replacement).

Bei der Methode der Gen-Unterbrechung wird ein zentraler
Teil der Kodierregion des interessierenden Gens in einen
Plasmidvektor kloniert, der in einem Wirt (typischerweise
20 *E. coli*), nicht aber in *C. glutamicum* replizieren kann. Als
Vektoren kommen beispielsweise pSUP301 (Simon et al.,
Bio/Technology 1, 784-791 (1983)), pK18mob oder pK19mob
(Schäfer et al., Gene 145, 69-73 (1994)), pK18mobsacB oder
pK19mobsacB (Jäger et al., Journal of Bacteriology 174:
25 5462-65 (1992)), pGEM-T (Promega corporation, Madison, WI,
USA), pCR2.1-TOPO (Shuman (1994). Journal of Biological
Chemistry 269:32678-84; US-Patent 5,487,993), pCR®Blunt
(Firma Invitrogen, Groningen, Niederlande; Bernard et al.,
Journal of Molecular Biology, 234: 534-541 (1993)) oder
30 pEM1 (Schrumpf et al, 1991, Journal of Bacteriology
173:4510-4516) in Frage. Der Plasmidvektor, der das
zentrale Teil der Kodierregion des Gens enthält, wird
anschliessend durch Konjugation oder Transformation in den
gewünschten Stamm von *C. glutamicum* überführt. Die Methode
35 der Konjugation ist beispielsweise bei Schäfer et al.

(Applied and Environmental Microbiology 60, 756-759 (1994)) beschrieben. Methoden zur Transformation sind beispielsweise bei Thierbach et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 29, 356-362 (1988)), Dunican und Shivanan (Bio/Technology 7, 1067-1070 (1989)) und Tauch et al. (FEMS Microbiological Letters 123, 343-347 (1994)) beschrieben. Nach homologer Rekombination mittels eines "cross-over"-Ereignisses wird die Kodierregion des betreffenden Gens durch die Vektorsequenz unterbrochen und man erhält zwei unvollständige Allele, denen jeweils das 3'- bzw. das 5'-Ende fehlt. Diese Methode wurde beispielsweise von Fitzpatrick et al. (Applied Microbiology and Biotechnology 42, 575-580 (1994)) zur Ausschaltung des recA-Gens von *C. glutamicum* verwendet.

Bei der Methode des Genaustausches (gene replacement) wird eine Mutation wie z.B. eine Deletion, Insertion oder Basenaustausch in dem interessierenden Gen in-vitro hergestellt. Das hergestellte Allel wird wiederum in einen für *C. glutamicum* nicht replikativen Vektor kloniert und dieser anschliessend durch Transformation oder Konjugation in den gewünschten Wirt von *C. glutamicum* überführt. Nach homologer Rekombination mittels eines ersten, Integration bewirkenden "cross-over"-Ereignisses und eines geeigneten zweiten, eine Exzision bewirkenden "cross-over"-Ereignisses im Zielgen bzw. in der Zielsequenz erreicht man den Einbau der Mutation bzw. des Allels. Diese Methode wurde beispielsweise von Peters-Wendisch et al. (Microbiology 144, 915 - 927 (1998)) verwendet, um das pyc-Gen von *C. glutamicum* durch eine Deletion auszuschalten.

In das citA-Gen kann auf diese Weise eine Deletion, Insertion oder ein Basenaustausch eingebaut werden.

Zusätzlich kann es für die Produktion von L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, zusätzlich zur Abschwächung des citA-Gens eines oder mehrere Enzyme des jeweiligen Biosyntheseweges, der Glykolyse, der

Anaplerotik, des Pentosephosphat-Zyklus oder des Aminosäure-Exports und gegebenenfalls regulatorische Proteine zu verstärken, insbesondere überzuexprimieren.

5 So kann beispielsweise für die Herstellung von L-Lysin gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Dihydrodipicolinat-Synthase kodierende Gen dapA (EP-B 0 197 335),
- 10 • das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen gap (Eikmanns (1992), Journal of Bacteriology 174:6076-6086),
- das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen zwf (JP-A-09224661),
- 15 • das für die Pyruvat Carboxylase kodierende Gen pyc (DE-A-198 31 609),
- das für den Lysin-Export kodierende Gen lysE (DE-A-195 48 222)
- 20 • das für eine feed back resistente Aspartatkinase kodierende Gen lysC (Kalinowski et al. (1990), Molecular and General Genetics 224, 317-324; Accession No.P26512), oder
- das für das Zwal-Protein kodierende Gen zwal (DE: 199 59 328.0, DSM 13115)

verstärkt, insbesondere überexprimiert werden.

25 Ausserdem kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin, vorteilhaft sein, neben der Abschwächung des citA-Gens gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe

- das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck (DE 199 50 409.1, DSM 13047),
- das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase kodierende Gen pgi (US 09/396,478, DSM 12969),
- 5 • das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB (DE:1995 1975.7, DSM 13114)
- das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2 (DE: 199 59 327.2, DSM 13113)

abzuschwächen.

- 10 Weiterhin kann es für die Produktion von Aminosäuren, insbesondere L-Lysin vorteilhaft sein, neben der Abschwächung des citA-Gens unerwünschte Nebenreaktionen auszuschalten (Nakayama: „Breeding of Amino Acid Producing Microorganisms“, in: Overproduction of Microbial Products,
- 15 Krumphanzl, Sikyta, Vanek (eds.), Academic Press, London, UK, 1982).

- Die erfindungsgemäss hergestellten Mikroorganismen sind ebenfalls Gegenstand der Erfindung und können kontinuierlich oder diskontinuierlich im batch - Verfahren
- 20 (Satzkultivierung) oder im fed batch (Zulaufverfahren) oder repeated fed batch Verfahren (repetitives Zulaufverfahren) zum Zwecke der Produktion von L-Aminosäuren, insbesondere L-Lysin kultiviert werden. Eine Zusammenfassung über bekannte Kultivierungsmethoden ist im Lehrbuch von Chmiel
- 25 (Bioprozesstechnik 1. Einführung in die Bioverfahrenstechnik (Gustav Fischer Verlag, Stuttgart, 1991)) oder im Lehrbuch von Storhas (Bioreaktoren und periphere Einrichtungen (Vieweg Verlag, Braunschweig/Wiesbaden, 1994)) beschrieben.
- 30 Das zu verwendende Kulturmedium muss in geeigneter Weise den Ansprüchen der jeweiligen Stämme genügen. Beschreibungen von Kulturmedien verschiedener

Mikroorganismen sind im Handbuch „Manual of Methods for General Bacteriology“, der American Society for Bacteriology (Washington D.C., USA, 1981) enthalten. Als Kohlenstoffquelle können Zucker und Kohlehydrate wie z.B.

5 Glucose, Saccharose, Lactose, Fructose, Maltose, Melasse, Stärke und Cellulose, Öle und Fette, wie zum Beispiel Sojaöl, Sonnenblumenöl, Erdnussöl und Kokosfett, Fettsäuren, wie zum Beispiel Palmitinsäure, Stearinsäure und Linolsäure, Alkohole wie zum Beispiel Glycerin und

10 Ethanol und organische Säuren, wie zum Beispiel Essigsäure verwendet werden. Diese Stoffe können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

Als Stickstoffquelle können organische Stickstoff-haltige Verbindungen wie Peptone, Hefeextrakt, Fleischextrakt,

15 Malzextrakt, Maisquellwasser, Sojabohnenmehl und Harnstoff oder anorganische Verbindungen wie Ammoniumsulfat, Ammoniumchlorid, Ammoniumphosphat, Ammoniumcarbonat und Ammoniumnitrat verwendet werden. Die Stickstoffquellen können einzeln oder als Mischung verwendet werden.

20 Als Phosphorquelle können Phosphorsäure, Kaliumdihydrogenphosphat oder Dikaliumhydrogenphosphat oder die entsprechenden Natrium haltigen Salze verwendet werden. Das Kulturmedium muss weiterhin Salze von Metallen enthalten, wie zum Beispiel Magnesiumsulfat oder

25 Eisensulfat, die für das Wachstum notwendig sind. Schliesslich können essentielle Wachstumsstoffe wie Aminosäuren und Vitamine zusätzlich zu den oben genannten Stoffen eingesetzt werden. Dem Kulturmedium können überdies geeignete Vorstufen zugesetzt werden. Die genannten

30 Einsatzstoffe können zur Kultur in Form eines einmaligen Ansatzes hinzugegeben oder in geeigneter Weise während der Kultivierung zugefüttert werden.

Zur pH - Kontrolle der Kultur werden basische Verbindungen wie Natriumhydroxid, Kaliumhydroxid, Ammoniak

35 beziehungsweise Ammoniakwasser oder saure Verbindungen wie

Phosphorsäure oder Schwefelsäure in geeigneter Weise eingesetzt. Zur Kontrolle der Schaumentwicklung können Antischaummittel, wie zum Beispiel Fettsäurepolyglykolester eingesetzt werden. Zur Aufrechterhaltung der Stabilität von Plasmen können dem Medium geeignete selektiv wirkende Stoffe, wie zum Beispiel Antibiotika hinzugefügt werden. Um aerobe Bedingungen aufrechtzuerhalten, werden Sauerstoff oder Sauerstoff- haltige Gasmischungen, wie zum Beispiel Luft in die Kultur eingetragen. Die Temperatur der Kultur liegt normalerweise bei 20°C bis 45°C und vorzugsweise bei 25°C bis 40°C. Die Kultur wird solange fortgesetzt, bis sich ein Maximum des gewünschten Produktes gebildet hat. Dieses Ziel wird normalerweise innerhalb von 10 Stunden bis 160 Stunden erreicht.

Methoden zur Bestimmung von L-Aminosäuren sind aus dem Stand der Technik bekannt. Die Analyse kann zum Beispiel so wie bei Spackman et al. (Analytical Chemistry, 30, (1958), 1190) beschrieben durch Anionenaustausch-Chromatographie mit anschliessender Ninhydrin-Derivatisierung erfolgen, oder sie kann durch reversed phase HPLC erfolgen, so wie bei Lindroth et al. (Analytical Chemistry (1979) 51: 1167-1174) beschrieben.

Die Erfindung betrifft weiterhin ein Verfahren zur fermentativen Herstellung einer Aminosäure, ausgewählt aus der Gruppe L-Asparagin, L-Threonin, L-Serin, L-Glutamat, L-Glycin, L-Alanin, L-Cystein, L-Valin, L-Methionin, L-Isoleucin, L-Leucin, L-Tyrosin, L-Phenylalanin, L-Histidin, L-Lysin, L-Tryptophan und L-Arginin, insbesondere L-Lysin, unter Verwendung von coryneformen Bakterien, die insbesondere bereits eine oder mehrere der genannten Aminosäuren produzieren.

Die vorliegende Erfindung wird im folgenden anhand von Ausführungsbeispielen näher erläutert.

Die Isolierung von Plasmid-DNA aus Escherichia coli sowie alle Techniken zur Restriktion, Klenow- und alkalische Phosphatasebehandlung wurden nach Sambrook et al.

(Molecular Cloning. A Laboratory Manual, 1989, Cold Spring
5 Harbour Laboratory Press, Cold Spring Harbor, NY, USA)
durchgeführt. Methoden zur Transformation von Escherichia coli sind ebenfalls in diesem Handbuch beschrieben.

Die Zusammensetzung gängiger Nährmedien wie LB- oder TY-
10 Medium kann ebenfalls dem Handbuch von Sambrook et al.
entnommen werden.

BeispieleBeispiel 1

Herstellung einer genomischen Cosmid-Genbank aus
C. glutamicum ATCC 13032

- 5 Chromosomale DNA aus C. glutamicum ATCC 13032 wurde wie bei
Tauch et al., (1995, Plasmid 33:168-179) beschrieben,
isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham
Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung
Sau3AI, Code no. 27-0913-02) partiell gespalten. Die
10 DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase
(Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland,
Produktbeschreibung SAP, Code no. 1758250)
dephosphoryliert. Die DNA des Cosmid-Vektors SuperCos1
(Wahl et al. (1987), Proceedings of the National Academy of
15 Sciences, USA 84:2160-2164), bezogen von der Firma
Stratagene (La Jolla, USA, Produktbeschreibung SuperCos1
Cosmid Vektor Kit, Code no. 251301) wurde mit dem
Restriktionsenzym XbaI (Amersham Pharmacia, Freiburg,
Deutschland, Produktbeschreibung XbaI, Code no. 27-0948-02)
20 gespalten und ebenfalls mit shrimp alkalischer Phosphatase
dephosphoryliert.

- Anschliessend wurde die Cosmid-DNA mit dem
Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg,
Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Code no. 27-0868-
25 04) gespalten. Die auf diese Weise behandelte Cosmid-DNA
wurde mit der behandelten ATCC13032-DNA gemischt und der
Ansatz mit T4-DNA-Ligase (Amersham Pharmacia, Freiburg,
Deutschland, Produktbeschreibung T4-DNA-Ligase, Code no. 27-
0870-04) behandelt. Das Ligationsgemisch wurde
30 anschliessend mit Hilfe des Gigapack II XL Packing Extracts
(Stratagene, La Jolla, USA, Produktbeschreibung Gigapack II
XL Packing Extract, Code no. 200217) in Phagen verpackt.

Zur Infektion des E. coli Stammes NM554 (Raleigh et al. 1988, Nucleic Acid Res. 16:1563-1575) wurden die Zellen in 10 mM MgSO₄ aufgenommen und mit einem Aliquot der Phagensuspension vermischt. Infektion und Titerung der Cosmidbank wurden wie bei Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei die Zellen auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) + 100 µg/ml Ampicillin ausplattiert wurden. Nach Inkubation über Nacht bei 37°C wurden rekombinante Einzelklone selektioniert.

Beispiel 2

Isolierung und Sequenzierung des Gens citA

Die Cosmid-DNA einer Einzelkolonie wurde mit dem Qiaprep Spin Miniprep Kit (Product No. 27106, Qiagen, Hilden, Germany) nach Herstellerangaben isoliert und mit dem Restriktionsenzym Sau3AI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung Sau3AI, Product No. 27-0913-02) partiell gespalten. Die DNA-Fragmente wurden mit shrimp alkalischer Phosphatase (Roche Molecular Biochemicals, Mannheim, Deutschland, Produktbeschreibung SAP, Product No. 1758250) dephosphoryliert. Nach gelelektrophoretischer Auftrennung erfolgte die Isolierung der Cosmidfragmente im Grössenbereich von 1500 bis 2000 bp mit dem QiaExII Gel Extraction Kit (Product No. 20021, Qiagen, Hilden, Germany).

Die DNA des Sequenziervektors pZero-1 bezogen von der Firma Invitrogen (Groningen, Niederlande, Produktbeschreibung Zero Background Cloning Kit, Product No. K2500-01) wurde mit dem Restriktionsenzym BamHI (Amersham Pharmacia, Freiburg, Deutschland, Produktbeschreibung BamHI, Product No. 27-0868-04) gespalten. Die Ligation der Cosmidfragmente in den Sequenziervektor pZero-1 wurde wie von Sambrook et al. (1989, Molecular Cloning: A Laboratory Manual, Cold Spring Harbor) beschrieben durchgeführt, wobei das

DNA-Gemisch mit T4-Ligase (Pharmacia Biotech, Freiburg, Deutschland) über Nacht inkubiert wurde. Dieses Ligationsgemisch wurde anschliessend in den E. coli Stamm DH5 α MCR (Grant, 1990, Proceedings of the National Academy of Sciences, U.S.A., 87:4645-4649) elektroporiert (Tauch et al. 1994, FEMS Microbiol Letters, 123:343-7) und auf LB-Agar (Lennox, 1955, Virology, 1:190) mit 50 μ g/ml Zeocin ausplattiert.

Die Plasmidpräparation der rekombinanten Klone erfolgte mit dem Biorobot 9600 (Product No. 900200, Qiagen, Hilden, Deutschland). Die Sequenzierung erfolgte nach der Dideoxy-Kettenabbruch-Methode von Sanger et al. (1977, Proceedings of the National Academies of Sciences, U.S.A., 74:5463-5467) mit Modifikationen nach Zimmermann et al. (1990, Nucleic Acids Research, 18:1067). Es wurde der "RR dRhodamin Terminator Cycle Sequencing Kit" von PE Applied Biosystems (Product No. 403044, Weiterstadt, Deutschland) verwendet. Die gelelektrophoretische Auftrennung und Analyse der Sequenzierreaktion erfolgte in einem "Rotiphorese NF Acrylamid/Bisacrylamid" Gel (29:1) (Product No. A124.1, Roth, Karlsruhe, Germany) mit dem "ABI Prism 377" Sequenziergerät von PE Applied Biosystems (Weiterstadt, Deutschland).

Die erhaltenen Roh-Sequenzdaten wurden anschliessend unter Anwendung des Staden-Programpakets (1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) Version 97-0 prozessiert. Die Einzelsequenzen der pZerol-Derivate wurden zu einem zusammenhängenden Contig assembliert. Die computergestützte Kodierbereichsanalyse wurden mit dem Programm XNIP (Staden, 1986, Nucleic Acids Research, 14:217-231) angefertigt. Weitere Analysen wurden mit den "BLAST search programs" (Altschul et al., 1997, Nucleic Acids Research, 25:33893402) gegen die non-redundant Datenbank des "National Center for Biotechnology Information" (NCBI, Bethesda, MD, USA) durchgeführt.

Die erhaltene Nukleotidsequenz ist in SEQ ID No. 1 dargestellt. Die Analyse der Nukleotidsequenz ergab ein offenes Leseraster von 1653 bp, welches als citA-Gen bezeichnet wurde. Das citA-Gen kodiert für ein Polypeptid
5 von von 551 Aminosäuren

SEQUENZPROTOKOLL

<110> Degussa-Hüls AG

5 <120> Neue für das citA-Gen kodierende Nukleotidsequenzen

<130> 000173 BT

<140>

10 <141>

<160> 3

<170> PatentIn Ver. 2.1

15

<210> 1

<211> 2055

<212> DNA

<213> Corynebacterium glutamicum

20

<220>

<221> CDS

<222> (201)..(1853)

<223> citA-Gen

25

<400> 1

tttctgtggt tctcgaaact ttgagatccc gagtggtctg tgttgcttgt gggagtataa 60

gggtggcgct gtcacgcaca gaagtgtttg gtgcattgcc tgaggtagtg cgcaaaataa 120

30

gacttttgtg cattatgatc agaattgttg gcctgggact tcgcttcacg ctctgctgat 180

aatcgccccc gggggtagac atg tct gtt ggt gga tcc gac tgg aaa aac ttc 233

35

Met Ser Val Gly Gly Ser Asp Trp Lys Asn Phe
1 5 10

aag gag gtg gac atc att cgc ttt gct acc cga ata ctg gtg att caa 281

Lys Glu Val Asp Ile Ile Arg Phe Ala Thr Arg Ile Leu Val Ile Gln
15 20 25

40

gtg gct acc gtc gcg ttg gtg gta gct att tgc acc gga att ttc gca 329

Val Ala Thr Val Ala Leu Val Val Ala Ile Cys Thr Gly Ile Phe Ala
30 35 40

45

gtt ttg atg atg gat cag atg aaa act gag gcc gag cac aca gcg ctg 377

Val Leu Met Met Asp Gln Met Lys Thr Glu Ala Glu His Thr Ala Leu
45 50 55

50

tcc atc gga cgt tcg gtg gca tcc aac ccg cag atc cgc gag gaa gta 425

Ser Ile Gly Arg Ser Val Ala Ser Asn Pro Gln Ile Arg Glu Glu Val
60 65 70 75

55

gcg ctt gat act caa aca gga gca aac cca tcg gcc gaa gaa tta gcc 473

Ala Leu Asp Thr Gln Thr Gly Ala Asn Pro Ser Ala Glu Glu Leu Ala
80 85 90

gat gga gat atc caa gcg gtt gca cag gcg gcc aat gaa cgc act gga 521

Asp Gly Asp Ile Gln Ala Val Ala Gln Ala Ala Asn Glu Arg Thr Gly
95 100 105

		gct	ttg	ttt	gtc	gtt	atc	act	gac	ggg	tta	ggg	atc	cgc	ctg	tcc	cac	569
		Ala	Leu	Phe	Val	Val	Ile	Thr	Asp	Gly	Leu	Gly	Ile	Arg	Leu	Ser	His	
				110					115					120				
5		cca	gat	gag	gaa	cgt	ctg	ggg	gag	cag	gtg	agc	act	agc	ttt	gag	gct	617
		Pro	Asp	Glu	Glu	Arg	Leu	Gly	Glu	Gln	Val	Ser	Thr	Ser	Phe	Glu	Ala	
			125					130					135					
10		gcc	atg	cgg	ggg	gaa	gaa	acc	atg	gcg	tgg	gag	act	ggg	acc	ctc	ggt	665
		Ala	Met	Arg	Gly	Glu	Glu	Thr	Met	Ala	Trp	Glu	Thr	Gly	Thr	Leu	Gly	
			140				145					150					155	
15		gcg	tcc	gcg	cga	gca	aaa	gtg	cct	atc	ttt	gcg	ccg	gat	tct	agt	gtt	713
		Ala	Ser	Ala	Arg	Ala	Lys	Val	Pro	Ile	Phe	Ala	Pro	Asp	Ser	Ser	Val	
					160						165					170		
20		cca	gtc	ggg	gag	gtc	agt	gtt	ggg	ttt	gag	cga	gac	agt	gtg	tat	tcc	761
		Pro	Val	Gly	Glu	Val	Ser	Val	Gly	Phe	Glu	Arg	Asp	Ser	Val	Tyr	Ser	
				175					180						185			
25		cgc	ctg	ccc	atg	ttc	ctc	gcc	gcc	ctt	gct	ctt	att	tct	gtg	ttg	gga	809
		Arg	Leu	Pro	Met	Phe	Leu	Ala	Ala	Leu	Ala	Leu	Ile	Ser	Val	Leu	Gly	
				190				195					200					
30		atc	ctt	atc	ggc	gtg	ggg	gta	gcc	atg	ggc	atg	cga	cgc	cgt	tgg	gaa	857
		Ile	Leu	Ile	Gly	Val	Gly	Val	Ala	Met	Gly	Met	Arg	Arg	Arg	Trp	Glu	
			205				210					215						
35		cgc	gtg	acc	ttg	ggg	ttg	cag	ccg	gag	gag	cta	gtg	acc	ctt	gtg	caa	905
		Arg	Val	Thr	Leu	Gly	Leu	Gln	Pro	Glu	Glu	Leu	Val	Thr	Leu	Val	Gln	
			220				225					230					235	
40		aat	cag	act	gca	gtc	atc	gat	ggc	att	gat	gag	ggc	gtg	ctg	gcg	ctg	953
		Asn	Gln	Thr	Ala	Val	Ile	Asp	Gly	Ile	Asp	Glu	Gly	Val	Leu	Ala	Leu	
					240				245						250			
45		agc	cca	aac	gga	aca	att	ggg	gtg	cat	aat	gag	cag	gcg	caa	tcc	atg	1001
		Ser	Pro	Asn	Gly	Thr	Ile	Gly	Val	His	Asn	Glu	Gln	Ala	Gln	Ser	Met	
				255				260						265				
50		att	ggg	gca	ggg	cct	atg	agt	ggc	agg	acg	ttg	aaa	gaa	cta	ggg	ctt	1049
		Ile	Gly	Ala	Gly	Pro	Met	Ser	Gly	Arg	Thr	Leu	Lys	Glu	Leu	Gly	Leu	
				270				275					280					
55		gac	ctg	ggg	ctt	gat	ggc	gtt	gta	ttg	cat	ggg	cag	cat	ccg	gaa	acc	1097
		Asp	Leu	Gly	Leu	Asp	Gly	Val	Val	Leu	His	Gly	Gln	His	Pro	Glu	Thr	
			285				290					295						
60		gtt	gcc	cat	aac	ggc	agg	atc	ctc	tat	ctg	gat	ttc	cac	ccc	gtg	cgc	1145
		Val	Ala	His	Asn	Gly	Arg	Ile	Leu	Tyr	Leu	Asp	Phe	His	Pro	Val	Arg	
			300				305					310					315	
65		cgt	ggg	gat	caa	gat	tta	ggc	tac	gtg	gta	acc	atc	cgc	gat	cgt	acc	1193
		Arg	Gly	Asp	Gln	Asp	Leu	Gly	Tyr	Val	Val	Thr	Ile	Arg	Asp	Arg	Thr	
					320						325					330		

	gac atc att gaa ctc agt gaa cgc ctc gac tct gtg cgc acc atg acc	1241
	Asp Ile Ile Glu Leu Ser Glu Arg Leu Asp Ser Val Arg Thr Met Thr	
	335 340 345	
5	cac gca ctc cgc gcc cag cgc cac gag ttt gcc aac cgc atc cac acc	1289
	His Ala Leu Arg Ala Gln Arg His Glu Phe Ala Asn Arg Ile His Thr	
	350 355 360	
10	gca aca ggg ctt atc gac gcc ggc cgc gtc cac gac gcg gca gag ttt	1337
	Ala Thr Gly Leu Ile Asp Ala Gly Arg Val His Asp Ala Ala Glu Phe	
	365 370 375	
15	cta ggc gat ata tcc cgc aac ggg gga cag tca cat cca ttg atc gga	1385
	Leu Gly Asp Ile Ser Arg Asn Gly Gly Gln Ser His Pro Leu Ile Gly	
	380 385 390 395	
20	tca gcg cac ctc aat gaa gca ttt ttg agc tca ttt tta agt act gct	1433
	Ser Ala His Leu Asn Glu Ala Phe Leu Ser Ser Phe Leu Ser Thr Ala	
	400 405 410	
25	tct att tcg gca tct gaa aag ggc gtt agt ctg cgc atc aac tct gac	1481
	Ser Ile Ser Ala Ser Glu Lys Gly Val Ser Leu Arg Ile Asn Ser Asp	
	415 420 425	
30	acg ctc atc ctt ggc act gtt aaa gat cca gaa gat gta gca acc att	1529
	Thr Leu Ile Leu Gly Thr Val Lys Asp Pro Glu Asp Val Ala Thr Ile	
	430 435 440	
35	ttg ggt aat tta atc aac aat gcc atc gac gcc gcg gtg gca ggt gaa	1577
	Leu Gly Asn Leu Ile Asn Asn Ala Ile Asp Ala Ala Val Ala Gly Glu	
	445 450 455	
40	gcc cca cgg tgg att gag ctt acg ttg atg gat gat gcc gat acg ctg	1625
	Ala Pro Arg Trp Ile Glu Leu Thr Leu Met Asp Asp Ala Asp Thr Leu	
	460 465 470 475	
45	gtc att tct gtt gca gat tct ggt cct gga atc cca gag ggc gtg gat	1673
	Val Ile Ser Val Ala Asp Ser Gly Pro Gly Ile Pro Glu Gly Val Asp	
	480 485 490	
50	gta ttt gcc aca gcc acc cag ata gga gac tct gaa gat aat gaa cgc	1721
	Val Phe Ala Thr Ala Thr Gln Ile Gly Asp Ser Glu Asp Asn Glu Arg	
	495 500 505	
55	acc cac ggg cat ggc att ggt cta aaa ctg tgc cgg gct ttg gct aga	1769
	Thr His Gly His Gly Ile Gly Leu Lys Leu Cys Arg Ala Leu Ala Arg	
	510 515 520	
60	tca cat ggt ggc gat gtc tgg gtg att gat aga gga acc gaa gat ggc	1817
	Ser His Gly Gly Asp Val Trp Val Ile Asp Arg Gly Thr Glu Asp Gly	
	525 530 535	
65	gct gta ttt gga gtg aaa cta ccg gga gta atg gag taatggatca	1863
	Ala Val Phe Gly Val Lys Leu Pro Gly Val Met Glu	
	540 545 550	
	aacacttaaaa gtttagtaa ttgatgatga tttccgcgtc gccggcattc acgectccat	1923

cgttgatgcyg tcccctggat tttcggtggt cggtagcgcyg cgtaccctcg cagaggcaaa 1983
 aaccctgate gccacatttt ccccgatct cctacttggt gatgtctacc tccccgacgg 2043
 5 cgatggcatt ga 2055

<210> 2
 <211> 551
 10 <212> PRT
 <213> Corynebacterium glutamicum

<400> 2

15	Met	Ser	Val	Gly	Gly	Ser	Asp	Trp	Lys	Asn	Phe	Lys	Glu	Val	Asp	Ile
	1				5					10					15	
	Ile	Arg	Phe	Ala	Thr	Arg	Ile	Leu	Val	Ile	Gln	Val	Ala	Thr	Val	Ala
				20					25					30		
20	Leu	Val	Val	Ala	Ile	Cys	Thr	Gly	Ile	Phe	Ala	Val	Leu	Met	Met	Asp
			35					40					45			
	Gln	Met	Lys	Thr	Glu	Ala	Glu	His	Thr	Ala	Leu	Ser	Ile	Gly	Arg	Ser
		50					55					60				
25	Val	Ala	Ser	Asn	Pro	Gln	Ile	Arg	Glu	Glu	Val	Ala	Leu	Asp	Thr	Gln
		65				70					75					80
	Thr	Gly	Ala	Asn	Pro	Ser	Ala	Glu	Glu	Leu	Ala	Asp	Gly	Asp	Ile	Gln
30				85						90					95	
	Ala	Val	Ala	Gln	Ala	Ala	Asn	Glu	Arg	Thr	Gly	Ala	Leu	Phe	Val	Val
				100					105					110		
35	Ile	Thr	Asp	Gly	Leu	Gly	Ile	Arg	Leu	Ser	His	Pro	Asp	Glu	Glu	Arg
			115					120					125			
	Leu	Gly	Glu	Gln	Val	Ser	Thr	Ser	Phe	Glu	Ala	Ala	Met	Arg	Gly	Glu
		130					135					140				
40	Glu	Thr	Met	Ala	Trp	Glu	Thr	Gly	Thr	Leu	Gly	Ala	Ser	Ala	Arg	Ala
		145				150					155				160	
	Lys	Val	Pro	Ile	Phe	Ala	Pro	Asp	Ser	Ser	Val	Pro	Val	Gly	Glu	Val
45				165					170						175	
	Ser	Val	Gly	Phe	Glu	Arg	Asp	Ser	Val	Tyr	Ser	Arg	Leu	Pro	Met	Phe
			180					185					190			
50	Leu	Ala	Ala	Leu	Ala	Leu	Ile	Ser	Val	Leu	Gly	Ile	Leu	Ile	Gly	Val
			195					200					205			
	Gly	Val	Ala	Met	Gly	Met	Arg	Arg	Arg	Trp	Glu	Arg	Val	Thr	Leu	Gly
		210					215					220				
55	Leu	Gln	Pro	Glu	Glu	Leu	Val	Thr	Leu	Val	Gln	Asn	Gln	Thr	Ala	Val
		225				230					235					240

[illegible]

5 <210> 3
<211> 481
<212> DNA
<213> Corynebacterium glutamicum

10 <220>
<223> citAint

<400> 3
15 ttccagtcgg tgaggtcagt gttggggttg agcgagacag tgtgtattcc cgcctgcca 60
tgttcctcgc cgcccttget cttatttctg tgttgggaat ccttatcggc gtgggtgtag 120
ccatgggcat gcgacgccgt tgggaacgcg tgaccttggg tttgcagccg gaggagctag 180
tgacccttgt gcaaaatcag actgcagtca tcgatggcat tgatgagggc gtgctggcgc 240
tgagcccaaa cggaacaatt ggggtgcata atgagcaggc gcaatccatg attggtgcag 300
gtcctatgag tggcaggacg ttgaaagaac tagggcttga cctgggtctt gatggcgttg 360
tattgcatgg tcagcatccg gaaaccgttg cccataacgg caggatcctc tatctggatt 420
20 tccaccccggt gcgccgtggg gatcaagatt taggctacgt ggtaaccatc cgcgatcgta 480
c 481

Patentansprüche

1. Isoliertes Polynukleotid aus coryneformen Bakterien,
enthaltend eine für das citA-Gen kodierende
5 Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe
 - a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist
mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid
kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2
enthält,
 - 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das
eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens
zu 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von
SEQ ID No. 2,
 - c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den
15 Polynukleotiden von a) oder b), und
 - d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15
aufeinanderfolgende Nukleotide der
Polynukleotidsequenz von a), b), oder c),
wobei das Polypeptid bevorzugt die Aktivität der
20 Sensor Kinase CitA aufweist.
2. Polynukleotide gemäss Anspruch 1, wobei das
Polynukleotid eine in coryneformen Bakterien
replizierbare, bevorzugt rekombinante DNA ist.
3. Polynukleotide gemäss Anspruch 1, wobei das
25 Polynukleotid eine RNA ist.
4. Polynukleotid gemäss Anspruch 2, enthaltend die
Nukleinsäuresequenz wie in SEQ ID No. 1 dargestellt.

5. Replizierbare DNA gemäss Anspruch 2 enthaltend
- (i) die Nukleotidsequenz, gezeigt in
SEQ ID No. 1, oder
 - 5 (ii) mindestens eine Sequenz, die der Sequenz
(i) innerhalb des Bereichs der Degeneration des
genetischen Kodes entspricht, oder
 - (iii) mindestens eine Sequenz, die mit den zu den
Sequenzen (i) oder (ii) komplementären
10 Sequenzen hybridisiert, und gegebenenfalls
 - (iv) funktionsneutrale Sinnmutationen in (i)..
6. Verfahren gemäss Anspruch 5,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass die Hybridisierung unter einer Stringenz
15 entsprechend höchstens 2x SSC durchgeführt wird.
7. Polynukleotidsequenz gemäss Anspruch 2, die für ein
Polypeptid kodiert, das die in SEQ ID No. 2
dargestellte Aminosäuresequenz enthält.
8. Coryneforme Bakterien, in denen das citA-Gen
20 abgeschwächt, bevorzugt ausgeschaltet wird.
9. Verfahren zur Herstellung von L-Aminosäuren,
insbesondere L-Lysin,
d a d u r c h g e k e n n z e i c h n e t,
dass man folgende Schritte durchführt,
- 25 a) Fermentation der die gewünschte L-Aminosäure
produzierenden coryneformen Bakterien, in denen
man zumindest das citA-Gen abschwächt,
 - b) Anreicherung des gewünschten Produkts im Medium
oder in den Zellen der Bakterien, und
 - 30 c) Isolieren der L-Aminosäure.

10. Verfahren gemäss Anspruch 9,
dadurch gekennzeichnet,
dass man Bakterien einsetzt, in denen man zusätzlich
weitere Gene des Biosyntheseweges der gewünschten
L-Aminosäure verstärkt.
11. Verfahren gemäss Anspruch 9,
dadurch gekennzeichnet,
dass man Bakterien einsetzt, in denen die
Stoffwechselwege zumindest teilweise ausgeschaltet
sind, die die Bildung der gewünschten L-Aminosäure
verringern.
12. Verfahren gemäss Anspruch 9,
dadurch gekennzeichnet,
dass man die Expression des (der) Polynukleotids(e),
das (die) für das citA-Gen kodiert (kodieren)
verringert, insbesondere ausschaltet.
13. Verfahren gemäss Anspruch 9,
dadurch gekennzeichnet,
dass man die regulatorischen (bzw. katalytischen)
Eigenschaften des Polypeptids herabsetzt, für das das
Polynukleotid citA kodiert.
14. Verfahren gemäss Anspruch 9,
dadurch gekennzeichnet,
dass man für die Herstellung von L-Aminosäuren,
insbesondere L-Lysin, Bakterien fermentiert, in denen
man gleichzeitig eines oder mehrere der Gene,
ausgewählt aus der Gruppe
- 14.1 das für die Dihydrodipicolinat-Synthase
kodierende Gen dapA,
- 14.2 das für die Glyceraldehyd-3-Phosphat
Dehydrogenase kodierende Gen gap

- 14.3 das für die Glucose-6-Phosphat Dehydrogenase kodierende Gen zwf,
- 14.4 das für die Pyruvat-Carboxylase kodierende Gen pyc,
- 5 14.5 das für den Lysin-Export kodierende Gen lysE,
- 14.6 das für eine feed back resistente Aspartatkinase kodierende Gen lysC,
- 14.7 das für das Zwa1-Protein kodierende Gen zwa1 verstärkt, bevorzugt überexprimiert.
- 10 15. Verfahren gemäss Anspruch 8, dadurch gekennzeichnet, dass man gleichzeitig eines oder mehrere der Gene, ausgewählt aus der Gruppe:
- 15 15.1 das für die Phosphoenolpyruvat-Carboxykinase kodierende Gen pck,
- 15.2 das für die Glucose-6-Phosphat Isomerase kodierende Gen pgi,
- 15.3 das für die Pyruvat-Oxidase kodierende Gen poxB
- 15.4 das für das Zwa2-Protein kodierende Gen zwa2
- 20 abschwächt.
16. Verfahren gemäss einem oder mehreren der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, dass man Mikroorganismen der Gattung Corynebacterium einsetzt.
- 25 17. Verfahren zum Auffinden von RNA, cDNA und DNA, um Nukleinsäuren, beziehungsweise Polynukleotide oder Gene zu isolieren, die für Sensor Kinase Cita kodieren

oder eine hohe Ähnlichkeit mit der Sequenz des citA-
Gens aufweisen,
dadurch gekennzeichnet,
dass man die Polynukleotide, die die Sequenzen gemäss
5 den Ansprüchen 1 bis 4 enthalten, als
Hybridisierungssonden einsetzt.

Neue für das citA-Gen kodierende Nukleotidsequenzen**Zusammenfassung**

Die Erfindung betrifft isolierte Polynukleotide, enthaltend eine Polynukleotidsequenz, ausgewählt aus der Gruppe

- 5 a) Polynukleotid, das mindestens zu 70 % identisch ist mit einem Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das die Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2 enthält,
- 10 b) Polynukleotid, das für ein Polypeptid kodiert, das eine Aminosäuresequenz enthält, die zu mindestens 70 % identisch ist mit der Aminosäuresequenz von SEQ ID No. 2,
- c) Polynukleotid, das komplementär ist zu den Polynukleotiden von a) oder b), und
- 15 d) Polynukleotid, enthaltend mindestens 15 aufeinanderfolgende Nukleotide der Polynukleotidsequenz von a), b) oder c),

20 und Verfahren zur fermentativen Herstellung von L-Aminosäuren unter Verwendung von coryneformen Bakterien, in denen zumindest das citA-Gen abgeschwächt vorliegt, und die Verwendung von Polynukleotiden, die die erfindungsgemässen Sequenzen enthalten, als Hybridisierungssonden.